

LOCALIZACIÓN DE RESISTENCIA A NUEVOS AISLADOS DE *Pyrenophora ssp.* EN TRIGO

Uranga Juan Pablo

Simón María Rosa (Dir.), Perelló Analía (Codir.)

Cátedra de Cerealicultura, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, UNLP.

jp_uranga@hotmail.com

PALABRAS CLAVE: Resistencia genética, Trigo, Mancha amarilla.

La mancha amarilla producida por *Pyrenophora tritici-repentis* es una de las enfermedades más importantes que afectan al trigo (Carmona et al., 1999). El hongo *Pyrenophora teres* causa la mancha en red de la cebada, pero algunos trabajos concluyen que también puede atacar trigo causando síntomas similares a los producidos por *P. tritici-repentis* (Mikhailova et al., 2010; Toth et al. 2007). El objetivo de este trabajo fue determinar variabilidad genética para resistencia a ambos patógenos y localizar molecularmente los factores genéticos determinantes de la resistencia frente a estos patógenos.

En 2014 y 2015 en la EEJH, FCAyF (UNLP) se inocularon con aislados novedosos, dos de *P. tritici-repentis* (LH y G) y dos aislados de *P. teres* (Pt1 y Pt2) a una población de 110 genotipos de trigos. Se evaluó severidad en plántula (EC 14) y en estado adulto (EC 49). Se realizó un ANVA y test LSD ($P=0,05$). La población de trigos fue genotipada utilizando 2132 marcadores DArT. Se realizó un mapeo asociativo utilizando el modelo lineal general (GLM) y el modelo lineal mixto (MLM). Se consideraron como significativos solo aquellos marcadores con valores de $P \leq 0,05$ en los dos modelos y ambientes ensayados. La severidad en plántula en el 2014 osciló entre 6,5% y 64,8% y en 2015 entre 4,1% y 29,6%. En 2014 la severidad en adulto osciló entre 19,2% y 100%, y en 2015 entre 27,1% y 100%. Se encontraron 187 asociaciones marcador-carácter, que involucraron 110 marcadores. Los marcadores asociados con resistencia en plántula fueron diferentes a los de

resistencia en adulto, indicando una diferente expresión de la resistencia en ambos estadios. En plántula se identificaron 36 asociaciones involucrando 34 marcadores. Se detectaron 23 marcadores asociados con resistencia a *P. tritici-repentis* en plántula, dos asociados al aislado LH, 19 al G y dos a ambos. Se encontraron 11 marcadores asociados con resistencia en plántula a *P. teres*, tres a Pt1 y ocho a Pt2. Los 34 marcadores se corresponden con 29 regiones genómicas en los cromosomas 1A (un marcador), 1B (dos), 1D (dos), 2A (dos), 2B (dos), 2D (tres), 3A (cuatro), 3B (cuatro), 5A (cinco), 6A (tres), 6B (uno), 6D (cuatro), 7A (cuatro) and 7D (uno). En el estado adulto se identificaron 151 asociaciones que involucraron 78 marcadores. Se detectaron 50 marcadores asociados con resistencia a *P. tritici-repentis*, 20 a LH, 12 a G y 18 a ambos. Además, 62 marcadores se asociaron con resistencia en estado adulto frente a *P. teres*, 21 al aislado Pt1, 20 al Pt2 y 21 a ambos. Los 78 marcadores se correspondieron con 64 regiones genómicas diferentes en los cromosomas 1A (cuatro), 1B (tres), 1D (uno), 2A (cinco), 2B (cinco), 2D (seis), 3A (cinco), 3B (ocho), 3D (dos), 4A (uno), 4B (cuatro), 5B (dos), 6A (cuatro), 6B (tres), 6D (uno), 7A (doce) and 7D (cinco).

Se observó una importante variabilidad de la resistencia a ambos patógenos en los genotipos utilizados. Se identificó una importante cantidad de marcadores asociados a la resistencia que fueron diferentes para ambos patógenos y estadios de evaluación.

